



DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIEE EN VERTU DU TRAI

(51) Classification internationale des brevets ⁶ :C12N 15/13, C07K 16/34, A61K 39/395,
C12N 15/86

A1

(11) I

WO 9607740A1

(43) Date de publication internationale: 14 mars 1996 (14.03.96)

(21) Numéro de la demande internationale: PCT/FR95/01143

(22) Date de dépôt international: 1er septembre 1995 (01.09.95)

(30) Données relatives à la priorité:

94/10566

2 septembre 1994 (02.09.94)

FR

(71) Déposants (pour tous les Etats désignés sauf US): INSTI-
TUT PASTEUR [FR/FR]; 28, rue du Docteur-Roux, F-
75724 Paris Cédex 15 (FR). PROTEINE PERFORMANCE
[FR/FR]; Route d'Alès, F-30380 Saint-Christol-lès-Alès
(FR).

(72) Inventeurs; et

(75) Inventeurs/Déposants (US seulement): EDELMAN, Léna
[FR/FR]; 6, rue Fessart, F-92100 Boulogne (FR). MAR-
GARITTE, Christel [FR/FR]; 16, rue du Général-de-Gaule,
F-92290 Chatenay-Malabry (FR). KACZOREK, Michel
[FR/FR]; 81, boulevard de la Lironde, F-34980 Montfer-
rier (FR). CHAABIHI, Hassan [MA/FR]; 30 B, avenue
Jules-Guesdes, F-30100 Alès (FR).(74) Mandataires: ORES, Irène etc.; Cabinet Orès, 6, avenue de
Messine, F-75008 Paris (FR).(81) Etats désignés: CA, US, brevet européen (AT, BE, CH, DE,
DK, ES, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE).

Publiée

Avec rapport de recherche internationale.

(54) Title: MONOCLONAL RECOMBINANT ANTI-RHESUS D (D7C2) ANTIBODY

(54) Titre: ANTICORPS MONOCLONAL RECOMBINANT ANTI-RHESUS D (D7C2)

(57) Abstract

Cloning of DNA fragments which code for the light chain or the heavy chain variable domain of the D7C2 monoclonal antibody within a baculovirus. The invention also concerns the expression of these DNA fragments in insect host cells, the anti-rhesus D recombinant monoclonal antibody so obtained and its use.

(57) Abrégé

L'invention est relative au clonage de fragments d'ADN qui codent pour le domaine variable de la chaîne légère ou de la chaîne lourde de l'anticorps monoclonal D7C2, dans un baculovirus, à leur expression dans des cellules-hôte d'insecte, à l'anticorps monoclonal recombinant anti-Rhésus D obtenu de la sorte, et à ses utilisations.

UNIQUEMENT A TITRE D'INFORMATION

Codes utilisés pour identifier les Etats parties au PCT, sur les pages de couverture des brochures publiant des demandes internationales en vertu du PCT.

AT	Autriche	GB	Royaume-Uni	MR	Mauritanie
AU	Australie	GE	Géorgie	MW	Malawi
BB	Barbade	GN	Guinée	NE	Niger
BE	Belgique	GR	Grèce	NL	Pays-Bas
BF	Burkina Faso	HU	Hongrie	NO	Norvège
BG	Bulgarie	IE	Irlande	NZ	Nouvelle-Zélande
BJ	Bénin	IT	Italie	PL	Pologne
BR	Brésil	JP	Japon	PT	Portugal
BY	Bélarus	KE	Kenya	RO	Roumanie
CA	Canada	KG	Kirghizistan	RU	Fédération de Russie
CF	République centrafricaine	KP	République populaire démocratique de Corée	SD	Soudan
CG	Congo	KR	République de Corée	SE	Suède
CH	Suisse	KZ	Kazakhstan	SI	Slovénie
CI	Côte d'Ivoire	LI	Liechtenstein	SK	Slovaquie
CM	Cameroun	LK	Sri Lanka	SN	Sénégal
CN	Chine	LU	Luxembourg	TD	Tchad
CS	Tchécoslovaquie	LV	Lettonie	TG	Togo
CZ	République tchèque	MC	Monaco	TJ	Tadjikistan
DE	Allemagne	MD	République de Moldova	TT	Trinité-et-Tobago
DK	Danemark	MG	Madagascar	UA	Ukraine
ES	Espagne	ML	Mali	US	Etats-Unis d'Amérique
FI	Finlande	MN	Mongolie	UZ	Ouzbékistan
FR	France			VN	Viet Nam
GA	Gabon				

Anticorps monoclonal recombinat anti-Rhésus D (D7C2)

La présente Invention est relative à
5 l'obtention en cellules d'insecte, d'un anticorps monoclonal recombinant anti-Rhésus D.

On désigne communément sous le terme "Rhésus positif", ou "Rh-positif" les sujets dont les hématies sont agglutinées par des alloanticorps dirigés contre
10 l'antigène D (qui est l'un des antigènes du système RH), et sous le terme "Rhésus négatif", ou "Rh-négatif" les sujets dont les hématies ne sont pas agglutinées par ces alloanticorps.

La maladie hémolytique du nouveau né est due
15 dans la majorité des cas, à la présence, chez une mère Rh-négatif, d'alloanticorps anti-RhésusD (l'allo-immunisation contre d'autres antigènes du système RH est beaucoup plus rare), qui provoquent chez un fœtus Rhésus positif une anémie hémolytique qui va nécessiter, soit
20 des transfusions in utero, soit une exsanguino-transfusion à la naissance dans les cas graves.

L'allo-immunisation de la mère intervient généralement lors d'un accouchement précédent ; des hématies fœtales passent dans la circulation maternelle,
25 et induisent une immunisation si l'enfant est Rh-positif.

La prévention de la maladie hémolytique du nouveau né consiste en l'injection d'anticorps anti-Rhésus D, aux femmes Rhésus négatif, immédiatement après un accouchement ou une interruption de grossesse.

30 Actuellement, les anticorps anti-Rhésus utilisés dans ce but sont des immunoglobulines polyclonales provenant de donneurs volontaires Rhésus négatif, immunisés à plusieurs reprises contre des hématies Rh-positif.

35 Ceci pose des problèmes, d'une part du fait de la nécessité de disposer de volontaires en nombre

suffisant pour répondre aux b soins, et d'autre part du fait des risques de contamination par des virus ou autres pathogènes qui pourraient être présents dans les préparations d'immunoglobulines obtenues à partir du sang
5 des volontaires.

Cependant, ce mode de production n'a à l'heure actuelle aucune alternative. En effet, bien qu'il existe des essais de culture de lignées lymphoblastoïdes, issues de lymphocytes B transformés par le virus Epstein-Barr,
10 et sécrétant des anticorps monoclonaux, aucun produit obtenu à partir de ce type de cultures n'a reçu l'autorisation de mise sur le marché du fait des risques impliqués par l'utilisation du virus Epstein-Barr.

Afin d'obtenir une source d'immunoglobulines
15 anti-Rhésus D ne présentant pas les inconvénients des immunoglobulines utilisées jusqu'à présent, les Inventeurs se sont fixé pour but la production d'un anticorps monoclonal humain anti-Rhésus recombinant dans des cellules d'insecte, en utilisant un vecteur
20 d'expression dérivé d'un baculovirus.

Dans ce but les Inventeurs ont d'abord sélectionné une lignée produisant un anticorps monoclonal anti-Rhésus D, dénommé D7C2. Cet anticorps appartient à la classe des IgM, agglutine les hématies de phénotype
25 Rhésus courant, les Rhésus faibles, et la plupart des Rhésus partiels à l'exception des D^{VI} ; cet anticorps se lie à un polypeptide de 30 à 32 Kda de la membrane des hématies.

Les Inventeurs ont ensuite cloné les séquences
30 codant pour les régions variables des chaînes lourde (H) et légère (L) de D7C2, et ont construit des cassettes d'expression permettant l'expression de chacune desdites séquences sous contrôle d'un promoteur fort de baculovirus.

La présente Invention a pour objet un fragment d'ADN, caractérisé en ce qu'il est choisi dans le groupe constitué par :

- un fragment d'ADN qui comprend une séquence
5 qui code pour la région variable de la chaîne légère de l'anticorps monoclonal D7C2 ;

- un fragment d'ADN qui comprend une séquence qui code pour la région variable de la chaîne lourde de l'anticorps monoclonal D7C2.

10 Par : "séquence qui code pour la région variable de la chaîne légère de l'anticorps monoclonal D7C2", on entend en particulier la séquence identifiée dans la liste de séquences en annexe sous le numéros SEQ ID N0: 1, qui code pour le polypeptide SEQ ID N0: 2.

15 Par : "séquence qui code pour la région variable de la chaîne lourde de l'anticorps monoclonal D7C2", on entend en particulier la séquence SEQ ID N0: 3 qui code pour le polypeptide SEQ ID N0: 4.

Cependant, il apparaîtra à l'homme de l'art
20 que cette définition englobe également des séquences fonctionnellement équivalentes aux séquences SEQ ID N0: 1 et SEQ ID N0: 3, à savoir, en particulier :

- toute séquence codant pour les polypeptides
SEQ ID N0: 2 et SEQ ID N0: 4, et également

25 - des séquences codant pour des polypeptides qui peuvent différer des polypeptides SEQ ID N0: 2 et SEQ ID N0: 4 par quelques acides aminés, à condition que cette variation ne se situe pas au niveau d'une séquence peptidique impliquée dans la reconnaissance de l'épitope.

30 Ceci englobe par exemple une séquence codant pour un polypeptide dont la séquence diffère de celle du polypeptide SEQ ID N0: 4 par le remplacement du résidu Thr en position 23, par un résidu Ala, ce qui résulte du remplacement d'un A en position 67 dans la séquence
35 SEQ ID N0: 3, par un G.

Des séquences fonctionnellement équivalentes aux séquences SEQ ID NO: 1 et SEQ ID NO: 3, sont également des séquences résultant d'une modification des extrémités de celles-ci en vue d'y créer des sites de restriction, ou de modifier ou supprimer ceux qui y sont
5 présents. Ceci englobe par exemple une séquence codant pour un polypeptide dont la séquence diffère de celle du polypeptide SEQ ID NO: 2 par le remplacement des trois premiers résidus, Asp-Ile-Glu, par les résidus Gln-Ser-
10 Val, ce qui résulte du remplacement d'un A en position 67 dans la séquence SEQ ID NO: 3, par un G.

La présente Invention a également pour objet une cassette d'expression comprenant une séquence codant pour la région variable de la chaîne légère de
15 l'anticorps monoclonal D7C2, ou une séquence codant pour la région variable de la chaîne lourde de l'anticorps monoclonal D7C2, laquelle séquence est placée sous contrôle transcriptionnel d'un promoteur approprié.

Selon un mode de réalisation préféré de la
20 présente Invention, ledit promoteur est un promoteur de baculovirus.

A titre d'exemple de promoteurs de baculovirus utilisables pour la mise en oeuvre de la présente Invention, on citera les promoteurs de la polyédrine et
25 de P10 des baculovirus AcMNPV ou S1MNPV, ou des dérivés de promoteurs de baculovirus, constitués par des promoteurs synthétiques ou recombinants, obtenus à partir d'un promoteur de baculovirus, et fonctionnels en cellules d'insectes, tel que par exemple celui décrit par
30 WANG et al, [Gene, 100, 131-137, (1991)].

Une cassette d'expression conforme à ce mode de réalisation comprend par exemple:

- un promoteur de baculovirus, tel que défini ci-dessus ;
- 35 - une séquence codant pour un peptide signal de sécrétion ;

- une séquence codant pour le domaine variable de la chaîne légère de l'anticorps monoclonal D7C2 et une séquence codant pour le domaine constant de la chaîne légère d'une immunoglobuline ; ou

- 5 - une séquence codant pour le domaine variable de la chaîne lourde de l'anticorps monoclonal D7C2 et une séquence codant pour le domaine constant de la chaîne lourde d'une immunoglobuline.

10 Un grand nombre de séquences codant pour des peptides signal fonctionnels en cellules d'insecte sont utilisables pour la mise en oeuvre de la présente Invention. A titre d'exemple non limitatif, on citera les séquences codant pour les peptides signal de l'acétylcholinestérase de Drosophile, de la
15 trophoblastine ovine, ainsi que les séquences codant pour les peptides signal des chaînes H et L d'immunoglobulines murines ou humaines, etc...

 Chacune des cassettes conformes à l'invention permet l'expression, soit de la chaîne légère, soit de la
20 chaîne lourde, d'un anticorps recombinant, dénommé ci-après r-D7C2, possédant la spécificité de l'anticorps monoclonal D7C2.

 Selon une disposition préférée de ce mode de réalisation, les séquences codant pour les domaines
25 constants des chaînes légères et lourdes d'immunoglobuline sont des séquences d'origine humaine.

 On peut choisir la séquence codant pour le domaine constant de la chaîne légère parmi les séquences codant pour les domaines constants des chaînes légères
30 kappa (κ) et lambda (λ).

 On peut choisir la séquence codant pour le domaine constant de la chaîne lourde parmi les séquences codant pour les domaines constants des chaînes lourdes $\gamma 1$, $\gamma 2$, $\gamma 3$, $\gamma 4$, α , ϵ , et μ . On peut ainsi obtenir un anticorps
35 recombinant appartenant à la classe d'immunoglobuline

(IgG1, IgG2, IgG3, IgG4, IgA, IgE, IgM) que l'on souhaite.

Très avantageusement, on choisira une séquence codant pour le domaine constant C γ d'une chaîne lourde γ .

- 5 L'anticorps recombinant r-D7C2 obtenu de la sorte, appartient à la classe des IgG, et sera dénommé ci-après r-IgG-D7C2.

Les séquences codant pour la chaîne légère et pour la chaîne lourde d'un anticorps r-IgG-D7C2, d'isotype IgG1, sont respectivement représentées dans la
10 liste de séquence en annexe sous les numéros SEQ ID N $^{\circ}$: 5 et SEQ ID N $^{\circ}$: 7 ; les séquences polypeptidiques correspondantes portent les numéros d'identification respectifs SEQ ID N $^{\circ}$: 6 et SEQ ID N $^{\circ}$: 8.

- 15 La présente Invention a également pour objet des vecteurs recombinants, portant au moins une cassette d'expression telle que définie ci-dessus ; dans ce cadre, la présente Invention englobe en particulier des baculovirus recombinants permettant l'expression de
20 l'anticorps r-D7C2, ainsi que des plasmides de transfert permettant la construction desdits baculovirus recombinants.

Les plasmides de transfert conformes à l'invention portent un insert comprenant : une cassette
25 d'expression telle que définie ci-dessus, et de part et d'autre de cette cassette, des séquences de baculovirus homologues de celles des régions flanquant la portion du génome viral en remplacement de laquelle on souhaite insérer ladite cassette.

- 30 Selon un mode de réalisation préféré des plasmides de transfert conformes à la présente Invention, lesdites séquences de baculovirus sont homologues de celles des régions flanquant le gène de la p10, ou homologues de celles des régions flanquant le gène de la
35 polyédrine.

Selon une disposition particulièrement avantageuse de ce mode de réalisation, la cassette d'expression contenant le gène codant pour la chaîne légère de l'anticorps r-D7C2 est flanquée des régions
5 entourant le gène de la polyédrine dans le baculovirus sauvage, et la cassette d'expression portant le gène codant pour la chaîne lourde de l'anticorps r-D7C2 est flanquée des régions entourant le gène P10 dans le baculovirus sauvage.

10 Schématiquement, la construction des plasmides de transfert conformes à l'invention se fait en insérant dans un plasmide capable de se répliquer chez un hôte bactérien (en général *E. coli*), la région du gène de baculovirus (par exemple p10 ou polyédrine, ou tout autre
15 locus du baculovirus) à la place duquel on souhaite insérer les gènes codant pour les chaînes H ou L d'immunoglobuline. Dans cette région, la séquence codante du gène de baculovirus (et éventuellement la séquence promoteur dudit gène) est remplacée par la séquence
20 codant pour la chaîne d'immunoglobuline à exprimer (et éventuellement par la séquence du promoteur sous contrôle duquel on souhaite exprimer cette chaîne d'immunoglobuline, s'il s'agit par exemple d'un promoteur "dérivé"). Le plasmide de transfert ainsi obtenu contient
25 donc un insert comprenant une séquence hétérologue (séquence d'une chaîne de l'anticorps r-D7C2) flanquée de séquences de baculovirus.

Pour permettre l'expression simultanée de la chaîne lourde (chaîne H) et de la chaîne légère (chaîne
30 L) et leur réassociation pour former la molécule d'anticorps recombinant, les Inventeurs ont inséré les deux cassettes sur un même vecteur d'expression. Ils ont ainsi obtenu un baculovirus double recombinant dans lequel la séquence codante de chacune des chaînes H et L
35 est sous le contrôle d'un promoteur fort.

Un baculovirus recombinant conforme à l'Invention, permettant l'expression de l'anticorps r-D7C2, peut être construit selon le principe suivant :

- l'on prépare séparément deux plasmides de transfert, tels que définis ci-dessus : un pour la chaîne H, et un pour la chaîne L.

On cotransfecte ensuite les cellules d'insecte avec l'ADN des vecteurs de transfert ainsi réalisés et l'ADN du baculovirus. Cette cotransfection est effectuée en deux étapes :

Le plasmide de transfert contenant la cassette d'expression pour le gène de la chaîne légère flanquée des régions entourant le gène de la polyédrine dans le baculovirus sauvage, est utilisé, avec l'ADN de baculovirus sauvage AcMNPV, pour cotransfecter des cellules d'insecte en culture.

Par recombinaison homologue entre l'ADN viral et le plasmide, les séquences codantes de la chaîne légère de l'immunoglobuline recombinante sont transférées dans le génome viral.

Après répllication de l'ADN viral dans les cellules transfectées, l'on procède à la sélection des baculovirus recombinants ayant intégré la séquence de la chaîne légère de l'immunoglobuline recombinante.

Ces baculovirus recombinants sont sélectionnés selon deux critères : leur incapacité à produire des polyèdres et leur capacité à exprimer la chaîne légère.

La Figure 1 illustre l'obtention du baculovirus exprimant la chaîne légère lambda de l'anticorps recombinant r-IgG-D7C2.

Dans une deuxième étape, les cellules sont cotransfectées avec l'ADN du baculovirus recombinant obtenu à l'issue de la première étape, et avec celui du plasmide de transfert contenant la cassette d'expression portant le gène codant pour la chaîne lourde de l'anticorps recombinant r-D7C2 flanquée des régions

entourant le gène P10 du baculovirus. Par recombinaison homologue, comme précédemment, le gène de la chaîne lourde est transféré dans l'ADN viral.

L'on sélectionne alors les virus double-
5 recombinaux qui sont capables de produire simultanément une chaîne lourde et une chaîne légère d'immunoglobuline. La détection de la chaîne lourde et de la chaîne légère d'immunoglobuline est effectuée par ELISA.

La Figure 2 illustre cette deuxième étape qui
10 permet d'obtenir un baculovirus exprimant la chaîne légère lambda et la chaîne lourde gamma de l'anticorps recombinant r-IgG-D7C2.

La présente Invention a pour objet un baculovirus recombinant caractérisé en ce qu'il
15 comprend au moins une cassette d'expression, telle que définie ci-dessus, comprenant une séquence codant tout ou partie de la chaîne H ou une séquence codant pour tout ou partie de la chaîne L de l'anticorps r-D7C2, laquelle séquence est placée sous contrôle transcriptionnel d'un
20 promoteur fort de baculovirus.

Selon un mode de réalisation d'un baculovirus recombinant conforme à l'invention il comprend une cassette d'expression comprenant la séquence codant pour la chaîne H et une cassette d'expression comprenant la
25 séquence codant pour la chaîne L, de l'anticorps monoclonal r-D7C2.

Selon une disposition préférée de ce mode de réalisation, le promoteur contrôlant la transcription de la séquence codant pour la chaîne L de l'anticorps
30 monoclonal r-D7C2, et le promoteur contrôlant la transcription de la séquence codant pour la chaîne H de l'anticorps monoclonal r-D7C2, sont deux promoteurs différents.

Selon une modalité avantageuse de cette
35 disposition, l'un des promoteurs est situé à l'emplacement occupé chez le baculovirus sauvage, par le

promoteur de la polyédrine et l'autre est situé à l'emplacement occupé chez le baculovirus sauvage, par le promoteur de la P10.

Selon encore une autre modalité avantageuse de cette disposition, l'un des promoteurs est le promoteur de la polyédrine ou l'un de ses dérivés, et l'autre est le promoteur de la p10 ou l'un de ses dérivés.

Avantageusement, le promoteur contrôlant la transcription de la séquence codant pour la chaîne légère de l'anticorps r-D7C2 est le promoteur de la polyédrine ou l'un de ses dérivés, et le promoteur contrôlant la transcription de la séquence codant pour la chaîne lourde de l'anticorps r-D7C2 est le promoteur de la P10 ou l'un de ses dérivés.

Selon une autre disposition de ce mode de réalisation, la séquence codant pour le peptide signal associé à la chaîne L de l'anticorps monoclonal r-D7C2, et la séquence codant pour le peptide signal associé à la chaîne H de l'anticorps monoclonal r-D7C2, sont deux séquences différentes.

Un baculovirus recombinant conforme à l'Invention, qui comprend une cassette d'expression comprenant la séquence codant pour la chaîne λ et une cassette d'expression comprenant la séquence codant pour la chaîne γ 1 de l'anticorps monoclonal r-IgG-D7C2, a été déposé le 19 août 1994, auprès de la C.N.C.M. (Collection Nationale de Cultures de Microorganismes, tenue par l'Institut Pasteur, 25 rue du Docteur ROUX, Paris), sous le numéro I-1468.

La présente Invention englobe également des cellules d'insecte infectées avec un baculovirus recombinant conforme à l'invention.

L'expression et la production de l'anticorps monoclonal recombinant r-D7C2 est obtenue in vitro dans des cellules d'insecte conformes à l'invention.

L'infection des cellules par un baculovirus double recombinant conforme à l'Invention résulte dans la production simultanée des chaînes H et L. Ces chaînes s'assemblent pour reconstituer l'anticorps monoclonal recombinant r-D7C2 qui est par la suite sécrété dans le milieu de culture.

La présente Invention a également pour objet un procédé de préparation d'un anticorps monoclonal recombinant, caractérisé en ce qu'il comprend une étape au cours de laquelle l'on cultive des cellules d'insecte infectées avec un baculovirus recombinant conforme à l'invention, et une étape au cours de laquelle l'on obtient ledit anticorps à partir du milieu de culture.

La présente Invention a également pour objet un anticorps monoclonal recombinant, caractérisé en ce que ses domaines variables ont la séquence des domaines variables de l'anticorps monoclonal D7C2 ; ceci englobe en particulier les préparations d'anticorps monoclonal recombinant r-D7C2 susceptibles d'être obtenues par le procédé conforme à l'invention, défini ci-dessus.

Selon un mode de réalisation préféré de l'anticorps monoclonal recombinant r-D7C2, il appartient à la classe des IgG.

Selon une disposition préférée de ce mode de réalisation, ledit anticorps r-D7C2 est d'isotype IgG1.

Un anticorps recombinant conforme à l'Invention peut être utilisé pour le diagnostic, ou pour la thérapeutique. Une utilisation particulièrement intéressante concerne l'obtention de médicaments destinés à la prévention de la maladie hémolytique du nouveau-né.

Dans ce but, on utilisera en particulier, un anticorps recombinant r-IgG-D7C2, de classe IgG, qui possède une activité effectrice ADCC, dont est dépourvu l'anticorps parental D7C2, qui est une IgM.

La production d'un anticorps monoclonal anti-Rhésus D en cellules d'insecte permet d'éviter les

risques et les problèmes liés à l'immunisation de volontaires masculins Rh-D négatifs par injection de globules rouges humains RhD positifs, et de diminuer les risques de contamination par des virus ou autre
5 pathogènes qui pourraient être présents dans les préparations d'immunoglobulines extraites du sang des volontaires.

En outre, ce mode de production présente les avantages suivants :

- 10 - sécurité pharmaceutique : l'utilisation de lignées cellulaires d'insecte et de baculovirus ne comporte pas le risque de virus adventices ou d'oncogènes qui se présente lorsque l'on utilise des lignées humaines ;
- 15 - standardisation du procédé de production, et du produit qui en est issu ;
- source d'approvisionnement en quantité quasi-illimitée.

La présente Invention sera mieux comprise à
20 l'aide du complément de description qui va suivre, qui se réfère à des exemples de préparation de baculovirus recombinants conformes à l'invention, et à leur utilisation pour la production d'un anticorps recombinant d'isotype IgG1, dénommé ci-après r-IgG-D7C2, dans des
25 cellules d'insectes.

Il doit être bien entendu toutefois que ces exemples sont donnés uniquement à titre d'illustration de l'objet de l'Invention dont ils ne constituent en aucune manière une limitation.

30 **Exemple 1. : Obtention de l'anticorps D7C2, et clonage des chaînes lourdes et légères.**

A) Description de l'anticorps D7C2 :

La lignée humaine D7C2 a été obtenue après immortalisation par le virus Epstein-Barr de lymphocytes
35 de sang périphérique provenant d'un donneur Rhésus

négatif (dce/dce) immunisé à 5 reprises avec des hématies Rhésus positif (DCe/DCe).

L'anticorps sécrété par cette lignée est d'isotype IgM. Cet anticorps qui sera dénommé ci-après
5 IgM-D7C2, agglutine les hématies de phénotype Rhésus positif DCcee; DCCee, DccEE, Dccee, et n'agglutine pas les hématies Rhésus négatif ddccee, ddCcee, ddccEe. Il agglutine les rhésus faibles, et la plupart des rhésus partiels (agglutination de DIIIa, DIIIc, DIVa, DVa, DVc,
10 DVII, et Rh33), à l'exception des DVI. Il agglutine les hématies LW(a-b+), et n'agglutine pas les hématies r^G et Rhmod. Les tests d'immuno-précipitation effectués sur des préparations de membranes de globules rouges Rhésus positif DCe/DCe solubilisées au TRITON X-100 ont montré
15 une liaison de l'anticorps IgM-D7C2 avec un polypeptide de 30 à 32 Kda environ.

B) Clonage et séquençage des parties variables de la chaîne lourde et de la chaîne légère

L'ARN total est extrait des cellules du clone
20 D7C2 par le thiocyanate de guanidine, puis précipité à l'isopropanol. Après élimination de l'ADN par digestion à la DNase, l'ARN est précipité par NaCl (concentration finale 0,2M)

L'ADNc est synthétisé à partir de 1µg d'ARN
25 par transcription inverse, en utilisant une amorce oligo-dT.

les parties variables des chaînes lourdes (VH) et légères (VL) sont amplifiées par ACP (amplification en chaîne par polymérase) à partir de 1µg d'ADNc simple
30 brin, en utilisant la Taq DNA polymérase.

Les amorces utilisées sont les suivantes :

* Pour VH :.

VH1 (SEQ ID N° : 9) :

CCTCAGTGAAGGTCTCCTGCAAGG ;

35 VH2 (SEQ ID N° : 10) :

TCCTGCGCTGGTGAAAGCCACACA ;

VH3 (SEQ ID NO : 11) :
 GGTCCCTGAGACTCTCCTGTGCA ;
 VH4a (SEQ ID NO : 12) :
 TCGGAGACCCTGTCCCTCACCTGCA ;
 5 VH4b (SEQ ID NO : 13) :
 CGCTGTCTCTGGTTACTCCATCAG ;
 VH5 (SEQ ID NO : 14) :
 GAAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAA ;
 VH6 (SEQ ID NO : 15) :
 10 CCTGTGCCATCTCCGGGGACAGTG ;
 * Pour VL :
 VλFW1 (SEQ ID NO : 16) :
 CAGTCTGTGCTGACTCAG ;
 Cλ (SEQ ID NO : 17) :
 15 CACACYAGTGTRGCCTGGTT.
 Trente cycles d'amplification sont ainsi effectués.

Après phosphorylation, le fragment amplifié est purifié sur gel d'agarose, puis ligaturé dans le
 20 plasmide PTZ18R. Le plasmide obtenu est utilisé pour transformer *Escherichia coli* KL1 blue.

La sélection des bactéries transformées est faite par un test de résistance à l'ampicilline.

La séquence nucléotidique des inserts des
 25 vecteurs plasmidiques respectivement dénommés PTZ-V_L D7C2 et PTZ-V_HD7C2 est déterminée à l'aide du kit de séquencage PROMEGA.

La séquence codant pour la région variable de la chaîne légère de l'anticorps monoclonal humain IgM-
 30 D7C2 est représentée dans la liste de séquence en annexe sous le numéro SEQ ID NO : 1 ; la séquence polypeptidique correspondante est représentée dans la liste de séquence en annexe sous le numéro SEQ ID NO : 2.

La séquence codant pour la région variable de
 35 la chaîne lourde de l'anticorps monoclonal humain IgM-D7C2 est représentée dans la liste de séquences en annexe

sous le numéro SEQ ID NO : 3 ; la séquence polypeptidique correspondante est représentée dans la liste de séquence en annexe sous le numéro SEQ ID NO : 4.

Les emplacements des CDR (régions déterminant la complémentarité) sont indiqués dans les caractéristiques des séquences SEQ ID NO : 1 et SEQ ID NO : 3.

Exemple 2 : Construction de plasmides de transfert portant les séquences variables de D7C2

A) PLASMIDE DE TRANSFERT POUR LA CHAÎNE LÉGÈRE LAMBDA :

1) Obtention du plasmide pBC λ

a- Plasmide pGmAc116T :

Ce vecteur est dérivé du plasmide pGmAc115T [ROYER et al., J. Virol., 66, 3230-3235, (1992)], lui-même dérivé du plasmide pAc1 [CHAABIHI et al., J. Virol., 67, 2664-2671 (1993)] contenant le fragment EcoRI-I du baculovirus de la polyédrose nucléaire d'*Autographa californica* (AcMNPV), et donc le gène polyédrine, et les séquences flanquant ledit gène. Pour obtenir pGmAc116T, le plasmide pGmAc115T a été délété d'un fragment de 1900pb allant d'un site EcoRI situé en amont du gène polyédrine à un site XhoI situé 1900pb en aval de ce site EcoRI.

5 μ g du plasmide pGmAc115T ont été digérés pendant 2 heures à 37°C par 15 unités d'enzyme XhoI (BOEHRINGER), dans un volume réactionnel de 50 μ l et dans les conditions préconisées par le fournisseur. Après extraction au phénol/chloroforme, l'ADN plasmidique a été précipité à l'alcool. Cet ADN a été ensuite partiellement coupé par EcoRI (BOEHRINGER) dans un volume réactionnel de 50 μ l en présence de 0,5 unité d'enzyme. L'incubation a été faite à 37°C pendant 20 minutes. Après une nouvelle extraction au phénol/chloroforme, les extrémités générées par les coupures XhoI et EcoRI ont été rendues franches par l'enzyme de Klenow (BIOLABS) en présence des 4 dNTPs

selon le protocole préconisé par le fournisseur. L'ADN plasmidique a enfin été précipité à l'alcool et incubé avec la ligase du phage T4 (BOEHRINGER) dans les conditions préconisées par le fournisseur.

5 Des bactéries *E. coli* compétentes ont été transformées par une partie du mélange de ligation ; le criblage des colonies issues de cette transformation a permis de sélectionner le plasmide pGmAc116T. Ce plasmide contient un site BglII en aval du promoteur de la
10 polyédrine.

b- Peptide signal :

La séquence codante choisie pour le peptide signal a été synthétisée chimiquement sous forme de deux oligonucléotides complémentaires ayant des extrémités
15 permettant l'insertion du duplex dans un site BglII. Pour l'appariement, 15 µg de chacun des deux oligonucléotides sont incubés dans 50 µl de tampon (Tris 1 mM pH 7,5, EDTA 0,1 mM), pendant 5 minutes dans un bain marie à 70°C. Le bain est ensuite laissé refroidir jusqu'à température
20 ambiante (22 à 25°C). Le produit d'appariement est utilisé directement dans les réactions de ligation avec le plasmide pGmAc116T préalablement coupé par BglII.

Les conditions de ligation sont les suivantes :

25 1µg du plasmide pGmAc116T coupé par BglII ; 1µg de l'oligonucléotide bicaténaire portant la séquence codant pour le peptide signal ; 2µl de tampon ligase 10X (BOEHRINGER) ; eau distillée q.s.p. 19µl ; 1 unité (1µl) de ligase (BOEHRINGER). L'incubation est effectuée à 22°C
30 pendant 2 heures ; le produit de ligation est utilisé pour transformer des bactéries *E. coli* compétentes.

c- Région constante Cλ :

La séquence codante de la région constante de la chaîne légère λ humaine a été amplifiée par ACP en
35 utilisant comme matrice de l'ADNc de lymphocytes B humains. Les lymphocytes humains (environ 5×10^8) ont été

préparés à partir de 200 ml de sang en utilisant HISTOPAQUE® (SIGMA). L'ARN total a été extrait de ces lymphocytes en utilisant un kit PHARMACIA (RNA extraction kit). Le premier brin d'ADNc a été préparé à partir de
5 l'ARN total à l'aide du kit "First-Strand cDNA synthesis kit" de PHARMACIA.

L'amplification par ACP de la région Cλ a été réalisée en présence de l'amorce OPP-HuCλ3' complémentaire de l'extrémité 3' des régions Cλ et
10 apportant le site de restriction BglII et de l'amorce OPP-HuCλ5' complémentaire de l'extrémité 5' des régions Cλ et apportant le site de restriction XhoI.

Les séquences des deux amorces sont les suivantes :

- 15 *OPP-HuCλ3' (SEQ ID NO : 18) :
5'-CCT GTC AGA TCT ATG AAC ATT CTG TAG GGG-3'
(site BglII souligné)
*OPP-HuCλ5' (SEQ ID NO : 19) :
5'-CCG CCC TCC CTC GAG CTT CAA-3'
20 (site XhoI souligné)

Le produit de l'amplification a été digéré par BglII et XhoI avant d'être cloné dans les sites XhoI-BglII du plasmide pGmAc portant la séquence codant pour le peptide signal.

- 25 La composition du mélange de ligation est la suivante :

1µg du plasmide pGmAc coupé par XhoI et BglII ; 200 ng du fragment Cλ amplifié et digéré par BglII et XhoI, 2µl de tampon ligase 10X (BOEHRINGER), eau
30 distillée q.s.p. 19µl, 1 unité (1µl) de ligase (BOEHRINGER).

L'incubation est effectuée à 22°C pendant 2 heures ; le produit de ligation est utilisé pour transformer des bactéries *E.coli* compétentes.

- 35 Le plasmide obtenu est dénommé pBCλ.

2) Clonage de la région variable de la chaîne
 λ de D7C2

Le clonage de la région variable de la chaîne légère λ de l'anticorps monoclonal humain IgM-D7C2 a été
5 réalisé de la manière suivante :

La région variable λ de l'anticorps monoclonal IgM-D7C2 a été amplifiée par ACP en utilisant :

- comme matrice, l'ADN du plasmide PTZ-V_LD7C2 décrit à l'exemple 1 ci-dessus, qui porte la région
10 variable de la chaîne légère de l'anticorps monoclonal IgM-D7C2 ;

- une amorce représentant une séquence consensus à l'extrémité 5' des gènes V_L humains (OPP-HuV λ 5'), et une autre amorce complémentaire de la région
15 5' de la séquence codant pour la région constante lambda (OPP-HuV λ 3'), et qui permet d'amplifier toute région variable de chaîne λ).

Ces amorces apportent en outre respectivement les sites de restriction enzymatiques SacI et XhoI.

20 Les séquences nucléotidiques de ces amorces sont les suivantes :

* OPP-HuV λ 5' (SEQ ID NO : 20) :
5' -CA(GC)TCTGAGCTCAC(GT)CAG- 3'
(site SacI souligné)

25 L'utilisation de cette amorce provoque la modification de la séquence Gln-Ser-Val des trois premiers aminoacides de la charpente 1 de l'anticorps parental IgM-D7C2 en Asp-Ile-Glu dans l'anticorps recombinant.

30 * OPP-HuV λ 3' (SEQ ID NO : 21) :
5' -TTGAAGCTCGAGGGAGGGCGGGAA- 3'
(site XhoI souligné)

La composition du mélange d'amplification est la suivante :

35 10 μ l de tampon 10X de l'ADN polymérase ;
100 ng de plasmide PPTZ-V_LD7C2 ; 4 μ l du mélange de

déoxynucléotides (mélange contenant 5 mM dATP + 5 mM dCTP + 5 mM dGTP + 5 mM dTTP, BOEHRINGER) ; 2 mM MgSO₄ ; 1000 pmoles de l'amorce OPP-HuV λ 5' et 200 pmoles de l'amorce OPP-HuV λ 3' ; 1 μ l d'ADN polymérase thermostable, et eau distillée q.s.p. 100 μ l.

L'amplification a été réalisée en 30 cycles successifs d'incubation à 95°C pendant 30 secondes, 40°C pendant 30 secondes, et 72°C pendant 30 secondes, puis a été suivie d'une incubation à 72°C pendant 10 minutes.

L'amplification a permis d'obtenir un fragment d'environ 360 pb contenant la région variable V_L de l'anticorps D7C2 ainsi que la séquence codant pour les 16 premiers acides aminés de la région constante humaine λ .

Après amplification de la région V_L, une digestion par les enzymes SacI et XhoI du produit d'amplification a été réalisée et le fragment obtenu a été inséré entre les sites SacI et XhoI du plasmide pBC λ pour donner le plasmide p λ D7C2. La composition du mélange de ligation est la suivante :

2 μ l de tampon 10X pour la T4-DNA ligase (BOEHRINGER) ; 100 ng du fragment V_LD7C2 traité par les enzymes SacI et XhoI, 1 μ l du plasmide pBC λ coupé par SacI et XhoI ; 1 μ l de ligase (1 unité), et eau distillée q.s.p. 20 μ l.

L'incubation est effectuée à 16°C pendant 8 heures puis le produit de ligation est utilisé pour transformer des bactéries E. coli compétentes.

Les étapes de construction du plasmide p λ D7C2 sont représentées à la Figure 1.

La séquence de l'insert du plasmide p λ D7C2 qui code pour la chaîne légère lambda d'un anticorps r-D7C2, et pour le peptide signal, est représentée dans la liste de séquence en annexe sous le numéro SEQ ID N°: 5 ; la séquence polypeptidique de la chaîne légère lambda codée par cet insert est représentée sous le numéro SEQ ID N°: 6.

B) PLASMIDE DE TRANSFERT POUR LA CHAÎNE LOURDE1) Obtention du plasmide pBCy1

a- Plasmide de transfert :

Le plasmide pGm16 [BLANC et al, Virology, 192,
5 651-654, (1993)] dérive d'un plasmide dans lequel a été
cloné le fragment EcoRI-P du baculovirus AcMNPV contenant
le gène p10. La quasi-totalité de la séquence codante a
été déléetée et remplacée par un site BglII permettant
l'insertion de séquences à exprimer sous le contrôle du
10 promoteur p10.

b- Peptide signal :

La séquence codante de ce peptide est celle d'un gène VH
de souris (NEUBERGER M.S., 1983. EMBO J,2, 1373-1378).

Elle a été synthétisée chimiquement sous forme
15 de brins complémentaires, de manière à ce qu'elle puisse
être insérée dans un site BglII (Figure 1). Les
conditions d'appariement et de ligation sont identiques à
celles utilisées pour la chaîne légère.

c- Régions constantes humaines (Cy1):

20 Le cDNA de la séquence codante de la région
Cy1 humaine a été amplifié par ACP en utilisant les
amorces suivantes :

*HuCy1BAC (SEQ ID N0 : 22) :

5' CAA GGT ACC ACG GTC ACC GTC TCC - 3'

25 (site KpnI souligné).

Cette amorce correspond à une séquence
consensus des régions JH murines (extrémités 3' des
régions variables des chaînes lourdes murines), et
comprend un site KpnI.

30 *HuCy1FOR (SEQ ID N0 : 23) :

5'-GAAGATC TCA TTT ACC CGG AGA CAG GGA G-3'

(site BglII souligné).

La séquence a été déterminée à partir de
séquences Cy1 humaines. L'amorce est complémentaire de
35 l'extrémité 3' des Cy1 humaines, et permet de reconstituer
après amplification un site BglII en aval du codon stop.

La matrice utilisée pour amplifier la région C γ 1 humaine est le même mélange d'ADNc que celui utilisé pour l'amplification des séquences codantes C λ .

Le produit d'amplification a été séquencé et
5 cloné dans le vecteur de transfert pGm16 portant la séquence codant pour le peptide signal. La construction obtenue a été appelée pBC γ 1.

2) Clonage de la région variable de la chaîne lourde de l'anticorps D7C2

10 Le clonage de la région variable V $_H$ de la chaîne lourde de l'anticorps D7C2 a été réalisé de la manière suivante :

La région variable V $_H$ de la chaîne lourde de l'anticorps monoclonal IgM-D7C2 a été amplifiée par ACP
15 en utilisant :

- comme matrice l'ADN du plasmide PTZ-V $_H$ D7C2 portant la région variable de la chaîne lourde de l'anticorps monoclonal IgM-D7C2,

- une amorce reconstituant l'extrémité 5' des
20 régions variables de la famille VH4 (OC15-HuVH4) et une seconde amorce complémentaire de la partie 3' des gènes JH humains (OPP-HuJH). Ces amorces apportent respectivement les sites de restriction enzymatiques PstI et KpnI.

25 Les séquences nucléotidiques de ces amorces sont les suivantes :

- * OC15-HuVH4 (SEQ ID NO : 24) :

5' - GTC CAA CTG CAG CAG TGG GGC GCA GGA CTG
TTG AAG CCT TCG GAG ACC CTG TCC CTC - 3'

30 (le site PstI est souligné)

Cette amorce a été déterminée pour reconstituer la séquence codant pour les 14 premiers acides aminés de la charpente 1 des régions variables de la famille VH4 des chaînes λ 1 humaines, qui manquait dans
35 le plasmide PTZ-V $_H$ D7C2.

* OPP-HuJH (SEQ ID NO : 25) :

5'- TGA GGA GAC GGT GAC CGT GGT ACC TTG GC- 3'

(Le site KpnI est souligné).

Cette amorce est complémentaire de la séquence
5 consensus à l'extrémité 3' des régions JH humaines et
comprend un site KpnI

La composition du mélange d'amplification est
la suivante :

10 µl de tampon 10X de l'ADN polymérase, 100
10 ng de plasmide PTZ-V_HD7C2, 4 µl du mélange de
déoxynucléotides (mélange contenant 5 mM dATP + 5 mM dCTP
+ 5 mM dGTP + 5 mM dTTP, BOEHRINGER), 75 pmoles de
l'amorce OC15-HuVH4 et 100 pmoles de l'amorce OPP-HuJH,
1 µl de DNA polymérase thermostable et eau distillée
15 q.s.p. 100 µl.

L'amplification a été effectuée en 30 cycles
successifs d'incubation à 95°C pendant 30 secondes, 55°C
pendant 30 secondes et 72°C pendant 30 secondes et a été
suivie d'une incubation à 72°C pendant 10 minutes.

20 Après amplification de la région V_HD7C2, une
digestion Pst I-KpnI du fragment d'amplification obtenu
(taille environ 360 pb) a été réalisée et le fragment
obtenu a été inséré entre les sites PstI et KpnI du
plasmide cassette chaîne lourde pBCγ1 pour donner le
25 plasmide chargé pBγ1D7C2.

La composition du mélange de ligation est la
suivante :

2 µl de tampon 10X de la ligase (BOEHRINGER),
20 ng du fragment V1D7C2 traité par les enzymes PstI et
30 KpnI, 500 ng du plasmide pBCλ1 coupé par PstI et KpnI,
1 µl de ligase (BOEHRINGER) et eau distillée q.s.p. 20 µl.

La ligation et la transformation des bactéries
E. coli compétentes sont effectuées comme décrit
ci-dessus.

35 Les étapes de construction du plasmide
pBγ1D7C2 sont représentées à la Figure 2.

La séquence de l'insert du plasmide pBy1D7C2 qui code pour la chaîne lourde gamma 1 d'un anticorps r-IgG-D7C2, et pour le peptide signal, est représentée dans la liste de séquence en annexe sous le numéro
5 SEQ ID N0: 5 ; la séquence polypeptidique de la chaîne lourde gamma 1 codée par cet insert est représentée sous le numéro SEQ ID N0: 6.

Exemple 3 : Construction d'un baculovirus recombinant produisant l'anticorps r-D7C2

10 a - Insertion de la chaîne légère

Le plasmide chargé pB λ D7C2 a été utilisé pour co-transfecter des cellules d'insecte avec de l'ADN du baculovirus sauvage AcMNPV.

15 Les conditions de transfection sont les suivantes : 500 ng d'ADN viral et 4 μ g d'ADN plasmidique en présence de 40 μ l de DOTAP (BOEHRINGER) dans 3 ml de milieu de culture sans sérum de veau pour cellules d'insectes. La cotransfection a été réalisée sur 4 x 10⁶ cellules d'insectes Sf9 (ATCC35CRL 1711). Après quatre
20 heures de contact à 28°C, le mélange de cotransfection est remplacé par 4 ml de milieu de TGV5 (milieu complet pour cellules d'insectes avec 5% de sérum de veau). La culture est continuée pendant 6 jours à 28°C.

Le virus produisant la chaîne légère de
25 l'anticorps r-IgG-D7C2 sous le contrôle du promoteur polyédrique a été sélectionné dans un premier temps sur son incapacité à produire des polyèdres, puis sur sa capacité à exprimer une chaîne légère d'environ 25 kDa détectable par Western blot à l'aide d'anticorps anti-
30 chaîne λ humaine du commerce (CALTAG, TEBU).

L'ADN du virus recombinant obtenu (appelé AcMNPV- λ D7C2) a été préparé à partir des surnageants de cellules infectées.

35 b - Insertion de la chaîne lourde

Le plasmide chargé pBy1D7C2 a été utilisé en cotransfection avec l'ADN du baculovirus modifié AcMNPV- λ

D7C2. La cotransfection a été réalisée avec 500 ng d'ADN viral et 5 µg d'ADN plasmidique, sur cellules Sf9. Les doubles recombinants ont été sélectionnés par la technique de la dilution limite, associée à la technique
5 ELISA.

Après une semaine de culture, le surnageant de cotransfection est dilué (10^{-4} à 10^{-10}) puis distribué en plaques de 96 puits sur des cellules Sf9 (100 µl de surnageant/puits), après une heure de contact, 100 µl de
10 milieu sont rajoutés dans chaque puits. La sécrétion d'immunoglobulines γ1 est recherchée dans le surnageant de chaque puits par ELISA après une semaine de culture à 28°C.

Le test ELISA est réalisé comme indiqué ci-
15 dessous :

50 µl de surnageant de culture de chaque puits sont déposés sur une plaque ELISA (NUNC) recouverte d'anticorps anti-IgG humaines totales (CALTAG, TEBU). L'adsorption des anticorps anti-IgG (100 µl d'une
20 dilution 1/2000 par puits) a été réalisée en tampon PBS (137 mM NaCl ; 2,7 mM KCl ; 4,3 mM Na_2HPO_4 ; 1,4 mM KH_2PO_4) pendant une nuit à 4°C, après une saturation préalable pendant une heure à 37°C avec du PBS additionné de 5% de sérum de veau. Après l'ajout des surnageants de
25 culture, 50 µl de PBS additionné de 1% de sérum de veau et 0,1% de Tween 20 sont rajoutés dans chaque puits. L'ensemble est incubé à 37°C et trois lavages en PBS additionné de 1% de Tween 20 sont effectués. Les plaques sont recouvertes d'anticorps anti-IgG humaines couplés à
30 la biotine (CALTAG), à raison de 100 µl/puits d'une dilution 1/10 000 faite dans du PBS additionné de 1% de sérum de veau et 0,1% de Tween 20, pendant une heure à 37°C. Après trois nouveaux lavages, les plaques sont incubées en présence du conjugué streptavidine/
35 phosphatase alcaline (dilution 1/10 000, CALTAG) puis révélées par le substrat p-nitrophényl-phosphate (1mg/ml,

SIGMA) dilué en tampon alcalin (9 volumes de solution NaCl 3M et 1 volume de tampon Tris-HCl 1M pH 9,6). La densité optique de chaque puits est mesurée par spectrophotométrie à 405 nm. Les surnageants des puits
5 positifs aux dilutions virales les plus fortes sont recueillis et conservés.

L'isolement d'un clone viral recombinant exprimant la chaîne légère et la chaîne lourde est assuré par deux autres séries d'infections en plaques de 96
10 puits et recherche de l'anticorps par ELISA, suivies d'un clonage par la technique des plages de lyse. Le virus sélectionné a été baptisé Ac10HRh-33LRh (313).

Exemple 4 : Production et purification de l'anticorps monoclonal recombinant r-IgG-D7C2

15 **a) Culture et purification**

Le virus sélectionné Ac10HRh-33LRh (313) est multiplié sur cellules d'insectes Sf9 en milieu TGV2 (2% de sérum de veau foetal). La concentration d'anticorps produit et sécrété est évaluée par ELISA ; elle est
20 d'environ 3 mg/l.

Une fraction du surnageant viral obtenu est concentrée 10 fois à l'aide de concentrateurs CENTRIPREP 30 (AMICON), à une vitesse de rotation de 1800 tours par minute. Ce concentré est directement utilisé pour les
25 tests d'activité biologique *in vitro*. La concentration d'anticorps recombinant est évaluée à 30 mg/l dans le concentré.

D'autre part, une fraction (50 ml) de surnageant viral est déposée sur une colonne de
30 chromatographie de protéine A (gel SEPRACOR) préalablement équilibrée avec du PBS, afin de purifier l'IgG1 recombinante. Après deux rinçages successifs de la colonne avec du PBS et une solution citrate/acide citrique 0,1M pH5, l'immunoglobuline est éluée avec une
35 solution citrate/acide citrique 0,1M pH3. L'élution est suivie en mesurant la DO à 280 nm. Enfin, les fractions

recueillies sont neutralisées à pH7 avec une solution de Tris-HCl pH8 et conservées à 4°C. La solution d'anticorps purifié est testée pour l'activité biologique parallèlement à la solution concentrée.

5 b) Contrôle de l'assemblage et de la taille des chaînes d'immunoglobuline

La qualité de l'anticorps produit par le virus recombinant Ac 10HRh-33LRh(313) a été contrôlée par migration électrophorétique dans un gel SDS-PAGE 12,5% en
10 utilisant comme témoin une IgGλ humaine monoclonale du commerce (SIGMA). Cette expérience a montré que l'anticorps humain non réduit migre au même niveau que l'anticorps humain témoin. Après réduction par le dithiotréitol (DTT), on observe l'apparition de deux
15 sous-unités correspondant aux chaînes lourdes et légères, et migrant au même niveau que les chaînes de l'anticorps humain contrôle traité de la même façon.

Pour confirmer ces résultats, les protéines ont été transférées sur une membrane de nitrocellulose,
20 et les chaînes lourde et légère ont été détectées par des anticorps spécifiques anti-IgG ou anti-λ humaines.

Exemple 5 : Activité biologique de l'anticorps monoclonal recombinant r-IgG-D7C2

L'activité biologique de l'anticorps
25 recombinant a été mesurée en utilisant le surnageant de culture des cellules d'insectes productrices de r-IgG-D7C2, concentré 10 fois. Les mesures ont été effectuées par rapport à un anticorps recombinant (IgG1,K) "non-pertinent" (irrelevant) dirigé contre une protéine autre
30 que l'antigène Rhésus (contrôle négatif) et produit dans les mêmes conditions en cellules d'insectes, et par rapport à l'anticorps monoclonal parental humain IgM-D7C2 (IgM,λ).

L'activité biologique de l'anticorps
35 recombinant r-IgG-D7C2 a été évaluée :

1° Par des tests d'agglutination en tubes, avec le surnageant des cultures de cellules d'insectes concentré 10 fois (30µg/ml) et un panel de globules rouges humains papainés Rh-positif (R1/r, R1/R1, R2/R2, 5 Ro/r), et Rh-négatif (r/r) (G.N.R.G.S.).

50 µl de surnageant de culture concentré, contenant r-IgG-D7C2, et 50 µl de la suspension à 2% de globules rouges ont été incubés pendant 45 minutes à 37° ; les agglutinations sont appréciées de + à +++ selon 10 l'intensité de la réaction.

Les résultats figurent dans le Tableau I ci-dessous.

TABLEAU I

15	GLOBULES ROUGES PAPAINES	R1/r	R1/R1	R2/R2	Ro/r	r/r
	INTENSITE	+	+	+++	++	-

Le titre de l'anticorps recombinant r-IgG-D7C2, estimé en incubant le surnageant avec un pool de 20 globules rouges R1/r, traité à la papaine, pendant une heure à 37°C est de 1/512ème.

2° Par un test d'ADCC :

* Cellules effectrices (lymphocytes humains) :

25 La couche mononuclée est récupérée à partir du sang périphérique hépariné et séparé sur gradient de Ficoll Hypaque. Les cellules sont incubées à 37°, pendant une nuit, dans une boîte de culture cellulaire en plastique (pour supprimer les monocytes) avec 1% de sérum 30 de veau foetal ; les cellules non adhérentes sont ensuite récupérées et utilisées pour le test de cytotoxicité à raison de 8×10^6 cellules/ml.

* Cellules cibles (globules rouges)

- Le sang veineux de donneurs normaux, de 35 groupe R1/R1 (Rhésus positif) et de groupe r/r (Rhésus

négatif), est prélevé sur citrate, puis les globules sont mis en suspension à 2% dans du NaCl et papainés.

- Marquage au chrome Cr⁵¹

20 x 10⁶ globules rouges papainés sont incubés
5 à 37° pendant une heure avec 200µCi de Cr⁵¹, lavés 4 fois et resuspendus dans du NaCl à 9 pour mille.

- Test ADCC

Les expériences sont effectuées en triple, incluant les combinaisons suivantes :

10 . globules rouges marqués au Cr⁵¹ suspendus dans du NaCl à 9 pour mille, pour mesurer le relargage spontané du chrome.

. globules rouges marqués au Cr⁵¹, suspendus dans de l'eau distillée pour mesurer le relargage maximum
15 du chrome.

. globules rouges marqués au Cr⁵¹ sans anticorps, pour mesurer la cytotoxicité éventuelle des cellules effectrices.

. globules rouges marqués au Cr⁵¹,
20 sensibilisés avec :
- l'anti-D recombinant r-IgG-D7C2 ;
- un anticorps anti-D polyclonal spécifique (gammaglobulines, CNTS) à titre de contrôle positif ;
- l'anticorps recombinant "non-pertinent", à
25 titre de contrôle négatif..

Les anticorps sont utilisés à deux concentrations différentes (7,5µg/ml, 3,5µg/ml).

Les cellules préparées, effectrices et cibles sont distribuées dans des microplaques à fond rond de la
30 manière suivante :

50 µl de lymphocytes (8.10⁶ cellules/ml) et 50 µl de la suspension de globules rouges marqués au Cr⁵¹ (8.10⁵ cellules/ml) sont mis dans chaque puits avec un ratio de 10/1 ; 50 µl des différents anticorps sont
35 ajoutés ensuite pour l'étude comparative.

La quantité de Cr^{51} relargué est mesurée pour chaque suspension de globules rouges, et le % de lyse spécifique est calculé selon la formule suivante :

$$5 \quad \frac{(\% \text{ relargage d'un test}) - (\% \text{ relargage spontané})}{(\% \text{ relargage maximum}) - (\% \text{ relargage spontané})} \times 100$$

Les résultats figurent sur les tableaux II (hématies R1/R1) et III (hématies r/r) ci-dessous.

TABLEAU II

10		Concentration d'anticorps	% de Lyse spécifique
	Lymphocytes + Hématies		0,65%
15	Lymphocytes + Hématies + Anticorps témoin (IgG1) recombinant	3,5 µg/ml	0%
	Lymphocytes + Hématies +	7,5 µg/ml	76,6%
20	r-IgG-D7C2	3,5 µg/ml	93,3%
	Lymphocytes + Hématies + Anti-D polyclonal (γ globulines)	7,5 µg/ml	66,9%
		3,5 µg/ml	76,0%

TABLEAU III

		Concentration d'anticorps	% de Lyse spécifique
5	Lymphocytes + Hématies		0,76%
	Lymphocytes + Hématies + Anticorps témoin (IgG1) recombinant	3,5 µg/ml	0%
10	Lymphocytes + Hématies + r-IgG-D7C2	7,5 µg/ml 3,5 µg/ml	1,3% 0%
15	Lymphocytes + Hématies + Anti-D polyclonal (γ globulines)	7,5 µg/ml 3,5 µg/ml	0% 0,1%

Ces résultats montrent que l'anticorps r-IgG-D7C2 induit une lyse spécifique des hématies Rh-positif R1/R1.

LISTE DE SEQUENCES

(1) INFORMATIONS GENERALES:

(i) DEPOSANT:

(A) NOM: INSTITUT PASTEUR
(B) RUE: 28, RUE DU DOCTEUR ROUX
(C) VILLE: PARIS
(D) ETAT OU PROVINCE: -
(E) PAYS: FRANCE
(F) CODE POSTAL: 75724 CEDEX 15

(A) NOM: PROTEINE PERFORMANCE - SOCIETE ANONYME
(B) RUE: ROUTE D'ALES
(C) VILLE: SAINT CHRISTOL-LES-ALES
(D) ETAT OU PROVINCE: -
(E) PAYS: FRANCE
(F) CODE POSTAL: 30380

(A) NOM: EDELMAN LENA
(B) RUE: 6 RUE FESSART
(C) VILLE: BOULOGNE
(D) ETAT OU PROVINCE: -
(E) PAYS: FRANCE
(F) CODE POSTAL: 92100

(A) NOM: MARGARITTE CHRISTEL
(B) RUE: 16 RUE CHARLES DE GAULLE
(C) VILLE: CHATENAY-MALABRY
(D) ETAT OU PROVINCE: -
(E) PAYS: FRANCE
(F) CODE POSTAL: 92290

(A) NOM: KACZORECK MICHEL
(B) RUE: 81 BOULEVARD DE LA LIRONDE
(C) VILLE: MONTFERRIER
(D) ETAT OU PROVINCE: -
(E) PAYS: FRANCE
(F) CODE POSTAL: 34980

(A) NOM: CHAABIHI HASSAN
(B) RUE: 30B AVENUE JULES GUESDE
(C) VILLE: ALES
(D) ETAT OU PROVINCE: -
(E) PAYS: FRANCE
(F) CODE POSTAL: 30100

(ii) TITRE DE L' INVENTION: OBTENTION D'UN ANTICORPS MONOCLONAL RECOMBINANT A PARTIR D'UN ANTICORPS MONOCLONAL HUMAIN ANTI-RHESUS D, SA PRODUCTION EN CELLULES D'INSECTE, ET SES UTILISATIONS.

(iii) NOMBRE DE SEQUENCES: 25

(iv) FORME DECHIFFRABLE PAR ORDINATEUR:

(A) TYPE DE SUPPORT: Floppy disk
(B) ORDINATEUR: IBM PC compatible
(C) SYSTEME D' EXPLOITATION: PC-DOS/MS-DOS
(D) LOGICIEL: PatentIn Release #1.0, Version #1.30 (OEB)

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 1:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR: 312 paires de bases
 (B) TYPE: nucléotide
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

- (ix) CARACTERISTIQUE:
 (A) NOM/CLE: CDS
 (B) EMPLACEMENT: 1..312
 (D) AUTRES INFORMATIONS: /product= "Immunoglobulin Variable Region"

- (ix) CARACTERISTIQUE:
 (A) NOM/CLE: misc_feature
 (B) EMPLACEMENT: 67..99
 (D) AUTRES INFORMATIONS: /label= CDR1

- (ix) CARACTERISTIQUE:
 (A) NOM/CLE: misc_feature
 (B) EMPLACEMENT: 145..165
 (D) AUTRES INFORMATIONS: /label= CDR2

- (ix) CARACTERISTIQUE:
 (A) NOM/CLE: misc_feature
 (B) EMPLACEMENT: 262..279
 (D) AUTRES INFORMATIONS: /label= CDR3

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 1:

GAC ATC GAG CTC ACT CAG GAC CCT GCT GTG TCT GTG GCC TTG GGA CAG	48
Asp Ile Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Gly Gln	
1 5 10 15	
ACA GTC AGG ATC ACA TGC CAA GGA GAC AGC CTC AGA ACC TAT TAT GCA	96
Thr Val Arg Ile Thr Cys Gln Gly Asp Ser Leu Arg Thr Tyr Tyr Ala	
20 25 30	
AGC TGG TAC CAG CAG AAG CCA GGA CAG GCA CCT GTA CTT GTC ATC TAT	144
Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr	
35 40 45	
GGT AAA AAC AAC CGG CCC TCA GGG ATC CCA GAC CGA TTC TCT GGC TCC	192
Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser	
50 55 60	
AGC TCA GGA AAC ACA GCT TCC TTG ACC ATC ACT GGG GCT CAG GCG GAA	240
Ser Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu	
65 70 75 80	
GAT GAG GCT GAC TAT TTC TGT AAC AGC GGT GGG AAG GTG TTC GGC GGA	288
Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Asn Ser Gly Gly Lys Val Phe Gly Gly	
85 90 95	
GGG ACC AAG CTG ACC GTC CTA GGT	312
Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly	
100	

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 2:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 104 acides aminés
- (B) TYPE: acide aminé
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 2:

```

Asp Ile Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala Leu Gly Gln
 1               5               10               15
Thr Val Arg Ile Thr Cys Gln Gly Asp Ser Leu Arg Thr Tyr Tyr Ala
                20               25               30
Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu Val Ile Tyr
          35               40               45
Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe Ser Gly Ser
 50               55               60
Ser Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gln Ala Glu
 65               70               75               80
Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Asn Ser Gly Gly Lys Val Phe Gly Gly
          85               90               95
Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly
                100

```

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 3:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 369 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: CDS
- (B) EMBLEMENT: 1..369
- (D) AUTRES INFORMATIONS: /product= "Immunoglobulin Variable Region"

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: misc_feature
- (B) EMBLEMENT: 91..105
- (D) AUTRES INFORMATIONS: /label= CDR1

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: misc_feature
- (B) EMBLEMENT: 148..195
- (D) AUTRES INFORMATIONS: /label= CDR2

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: misc_feature
- (B) EMBLEMENT: 292..336
- (D) AUTRES INFORMATIONS: /label= CDR3

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 3:

CAG GTC CAA CTG CAG CAG TGG GGC GCA GGA CTG TTG AAG CCT TCG GAG	48
Gln Val Gln Leu Gln Gln Trp Gly Ala Gly Leu Leu Lys Pro Ser Glu	
105 110 115 120	
ACC CTG TCC CTC ACC TGC ACT GTC TAT GGT GGG TCC TTC AGT GGT TAC	96
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Tyr Gly Gly Ser Phe Ser Gly Tyr	
125 130 135	
TAC TGG AGC TGG ATC CGC CAG CCC CCA GGG AAG GGG CTG GAG TGG ATT	144
Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile	
140 145 150	
GGG GAA ATC AAT CAT AGT GGA AGC ACC AAC TAC AAC CCG TCC CTC AAG	192
Gly Glu Ile Asn His Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys	
155 160 165	
AGT CGA GTC ACC ATA TCA GTA GAC ACG TCC AAG AAC CAG TTC TCC CTG	240
Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu	
170 175 180	
AAA CTG AAC TCT GTG ACC GCC GCG GAC ACG GCT GTG TAT TAC TGT GCG	288
Lys Leu Asn Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala	
185 190 195 200	
AGG GCC CCA GAG TAT AAA TGG AAG TAT CAT GGG GAC TGG TTC GAC CCC	336
Arg Ala Pro Glu Tyr Lys Trp Lys Tyr His Gly Asp Trp Phe Asp Pro	
205 210 215	
TGG GGC CAA GGT ACC ACT GTC ACC GTC TCC TCA	369
Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser	
220 225	

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 4:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 123 acides aminés
- (B) TYPE: acide aminé
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 4:

Gln Val Gln Leu Gln Gln Trp Gly Ala Gly Leu Leu Lys Pro Ser Glu	
1 5 10 15	
Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Tyr Gly Gly Ser Phe Ser Gly Tyr	
20 25 30	
Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu Glu Trp Ile	
35 40 45	
Gly Glu Ile Asn His Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro Ser Leu Lys	
50 55 60	
Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln Phe Ser Leu	
65 70 75 80	
Lys Leu Asn Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr Tyr Cys Ala	
85 90 95	

Arg Ala Pro Glu Tyr Lys Trp Lys Tyr His Gly Asp Trp Phe Asp Pro
 100 105 110

Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser
 115 120

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 5:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 716 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: CDS
- (B) EMPLACEMENT: 1..716

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: sig_peptide
- (B) EMPLACEMENT: 1..57

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: mat_peptide
- (B) EMPLACEMENT: 58..716
- (D) AUTRES INFORMATIONS: /product= "Immunoglobulin, Light Chain"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 5:

ATG GGA TGG AGC TGT ATC ATC CTC TTC TTG GTA GCA ACA GCT ACA GGT	48
Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly	
-19 -15 -10 -5	
GTC CAC TCC GAC ATC GAG CTC ACT CAG GAC CCT GCT GTG TCT GTG GCC	96
Val His Ser Asp Ile Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala	
1 5 10	
TTG GGA CAG ACA GTC AGG ATC ACA TGC CAA GGA GAC AGC CTC AGA ACC	144
Leu Gly Gln Thr Val Arg Ile Thr Cys Gln Gly Asp Ser Leu Arg Thr	
15 20 25	
TAT TAT GCA AGC TGG TAC CAG CAG AAG CCA GGA CAG GCA CCT GTA CTT	192
Tyr Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu	
30 35 40 45	
GTC ATC TAT GGT AAA AAC AAC CGG CCC TCA GGG ATC CCA GAC CGA TTC	240
Val Ile Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe	
50 55 60	
TCT GGC TCC AGC TCA GGA AAC ACA GCT TCC TTG ACC ATC ACT GGG GCT	288
Ser Gly Ser Ser Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala	
65 70 75	
CAG GCG GAA GAT GAG GCT GAC TAT TTC TGT AAC AGC GGT GGG AAG CTG	336
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Asn Ser Gly Gly Lys Val	
80 85 90	
TTC GGC GGA GGG ACC AAG CTG ACC GTC CTA GGT CAG CCC AAG GCT GCC	384
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro Lys Ala Ala	
95 100 105	

CCC TCG GTC ACT CTG TTC CCG CCC TCC CTC GAG GAG CTT CAA GCC AAC	432
Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Leu Glu Glu Leu Gln Ala Asn	
110 115 120 125	
AAG GCC ACA CTC GAG GAG CTT CAA GCC AAC AAG GCC ACA CTA GTG TGT	480
Lys Ala Thr Leu Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys	
130 135 140	
CTG ATC AGT GAC TTC TAC CCG GGA GCT GTG ACA TTG GCT TGG AAG GCA	528
Leu Ile Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Leu Ala Trp Lys Ala	
145 150 155	
GAT GGC AGG CCC GTC AAG GCG GGA GTG GAG ACC AAC AAA CCC TCC AAA	576
Asp Gly Arg Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Asn Lys Pro Ser Lys	
160 165 170	
CAG AGC AAC AAC AAG TAC GCG GCC AGC AGC TAC CTG AGC CTG ACG CCC	624
Gln Ser Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro	
175 180 185	
GAG CAG TGG AAG TCC CAC AGA AGC TAC AGC TGC CAG GTC ACG CAT GAA	672
Glu Gln Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu	
190 195 200 205	
GGG AGC ACT GCA GAG AAG ACG GTG GCC CCT GCA GAA TGT TCA TA	716
Gly Ser Thr Ala Glu Lys Thr Val Ala Pro Ala Glu Cys Ser	
210 215	

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 6:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

(A) LONGUEUR: 238 acides aminés

(B) TYPE: acide aminé

(D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 6:

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly	
-19 -15 -10 -5	
Val His Ser Asp Ile Glu Leu Thr Gln Asp Pro Ala Val Ser Val Ala	
1 5 10	
Leu Gly Gln Thr Val Arg Ile Thr Cys Gln Gly Asp Ser Leu Arg Thr	
15 20 25	
Tyr Tyr Ala Ser Trp Tyr Gln Gln Lys Pro Gly Gln Ala Pro Val Leu	
30 35 40 45	
Val Ile Tyr Gly Lys Asn Asn Arg Pro Ser Gly Ile Pro Asp Arg Phe	
50 55 60	
Ser Gly Ser Ser Ser Gly Asn Thr Ala Ser Leu Thr Ile Thr Gly Ala	
65 70 75	
Gln Ala Glu Asp Glu Ala Asp Tyr Phe Cys Asn Ser Gly Gly Lys Val	
80 85 90	
Phe Gly Gly Gly Thr Lys Leu Thr Val Leu Gly Gln Pro Lys Ala Ala	
95 100 105	
Pro Ser Val Thr Leu Phe Pro Pro Ser Leu Glu Glu Leu Gln Ala Asn	
110 115 120 125	

Lys Ala Thr Leu Glu Glu Leu Gln Ala Asn Lys Ala Thr Leu Val Cys
 130 135 140

Leu Ile Ser Asp Phe Tyr Pro Gly Ala Val Thr Leu Ala Trp Lys Ala
 145 150 155

Asp Gly Arg Pro Val Lys Ala Gly Val Glu Thr Asn Lys Pro Ser Lys
 160 165 170

Gln Ser Asn Asn Lys Tyr Ala Ala Ser Ser Tyr Leu Ser Leu Thr Pro
 175 180 185

Glu Gln Trp Lys Ser His Arg Ser Tyr Ser Cys Gln Val Thr His Glu
 190 195 200 205

Gly Ser Thr Ala Glu Lys Thr Val Ala Pro Ala Glu Cys Ser
 210 215

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 7:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 1418 paires de bases
- (B) TYPE: nucléotide
- (C) NOMBRE DE BRINS: simple
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: CDS
- (B) EMBLACEMENT: 1..1418

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: sig_peptide
- (B) EMBLACEMENT: 1..57

(ix) CARACTERISTIQUE:

- (A) NOM/CLE: mat_peptide
- (B) EMBLACEMENT: 58..1418
- (D) AUTRES INFORMATIONS: /product= "Immunoglobulin, Heavy Chain"

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 7:

ATG GGA TGG AGC TGT ATC ATC CTC TTC TTG GTA GCA ACA GCT ACA GGT	48
Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly	
-19 -15 -10 -5	
GTC CAC TCC CAG GTC CAA CTG CAG CAG TGG GGC GCA GGA CTG TTG AAG	96
Val His Ser Gln Val Gln Leu Gln Gln Trp Gly Ala Gly Leu Leu Lys	
1 5 10	
CCT TCG GAG ACC CTG TCC CTC ACC TGC ACT GTC TAT GGT GGG TCC TTC	144
Pro Ser Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Tyr Gly Gly Ser Phe	
15 20 25	
AGT GGT TAC TAC TGG AGC TGG ATC CGC CAG CCC CCA GGG AAG GGG CTG	192
Ser Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu	
30 35 40 45	
GAG TGG ATT GGG GAA ATC AAT CAT AGT GGA AGC ACC AAC TAC AAC CCG	240
Glu Trp Ile Gly Glu Ile Asn His Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro	
50 55 60	

TCC CTC AAG AGT CGA GTC ACC ATA TCA GTA GAC ACG TCC AAG AAC CAG Ser Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln 65 70 75	288
TTC TCC CTG AAA CTG AAC TCT GTG ACC GCC GCG GAC ACG GCT GTG TAT Phe Ser Leu Lys Leu Asn Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr 80 85 90	336
TAC TGT GCG AGG GCC CCA GAG TAT AAA TGG AAG TAT CAT GGG GAC TGG Tyr Cys Ala Arg Ala Pro Glu Tyr Lys Trp Lys Tyr His Gly Asp Trp 95 100 105	384
TTC GAC CCC TGG GGC CAA GGT ACC ACT GTC ACC GTC TCC TCA GCC TCC Phe Asp Pro Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser 110 115 120 125	432
ACC AAG GGC CCA TCG GTC TTC CCC CTG GCA CCC TCC TCC AAG AGC ACC Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr 130 135 140	480
TCT GGG GGC ACA GCG GCC CTG GGC TGC CTG GTC AAG GAC TAC TTC CCC Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro 145 150 155	528
GAA CCG GTG ACG GTG TCG TGG AAC TCA GGC GCC CTG ACC AGC GGC GTG Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val 160 165 170	576
CAC ACC TTC CCG GCT GTC CTA CAG TCC TCA GGA CTC TAC TCC CTC AGC His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser 175 180 185	624
AGC GTG GTG ACC GTG CCC TCC AGC AGC TTG GGC ACC CAG ACC TAC ATC Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile 190 195 200 205	672
TGC AAC GTG AAT CAC AAG CCC AGC AAC ACC AAG GTG GAC AAG AAA GCA Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Ala 210 215 220	720
GAG CCC AAA TCT TGT GAC AAA ACT CAC ACA TGC CCA CCG TGC CCA GCA Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala 225 230 235	768
CCT GAA CTC CTG GGG GGA CCG TCA GTC TTC CTC TTC CCC CCA AAA CCC Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro 240 245 250	816
AAG GAC ACC CTC ATG ATC TCC CGG ACC CCT GAG GTC ACA TGC GTG GTG Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val 255 260 265	864
GTG GAC GTG AGC CAC GAA GAC CCT GAG GTC AAG TTC AAC TGG TAC GTG Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val 270 275 280 285	912
GAC GGC GTG GAG GTG CAT AAT GCC AAG ACA AAG CCG CGG GAG GAG CAG Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln 290 295 300	960
TAC AAC AGC ACG TAC CGG GTG GTC AGC GTC CTC AAA GTC CTG CAC CAG Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Lys Val Leu His Gln 305 310 315	1008

GAC TGG CTG AAT GGC AAG GAG TAC AAG TGC AAG GTC TCC AAC AAA GCC Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala 320 325 330	1056
CTC CCA GCC CCC ATC GAG AAA ACC ATC TCC AAA GCC AAA GGG CAG CCC Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro 335 340 345	1104
CGA GAA CCA CAG GTG TAC ACC CTG CCC CCA TCC CGG GAT GAG CTG ACC Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr 350 355 360 365	1152
AAG AAC CAG GTC AGC CTG ACC TGC CTG GTC AAA GGC TTC TAT CCC AGC Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser 370 375 380	1200
GAC ATC GCC GTG GAG TGG GAG AGC AAT GGG CAG CCG GAG AAC AAC TAC Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr 385 390 395	1248
AAG ACC ACG CCT CCC GTG CTG GAC TCC GAC GGC TCC TTC TTC CTC TAC Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr 400 405 410	1296
AGC AAG CTC ACC GTG GAC AAG AGC AGG TGG CAG CAG GGG AAC GTC TTC Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe 415 420 425	1344
TCA TGC TCC GTG ATG CAT GAG GCT CTG CAC AAC CAC TAC ACG CAG AAG Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys 430 435 440 445	1392
AGC CTC TCC CTG TCT CCG GGT AAA TG Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys 450	1418

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 8:

(i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:

- (A) LONGUEUR: 472 acides aminés
- (B) TYPE: acide aminé
- (D) CONFIGURATION: linéaire

(ii) TYPE DE MOLECULE: protéine

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 8:

Met Gly Trp Ser Cys Ile Ile Leu Phe Leu Val Ala Thr Ala Thr Gly
-19 -15 -10 -5

Val His Ser Gln Val Gln Leu Gln Gln Trp Gly Ala Gly Leu Leu Lys
1 5 10

Pro Ser Glu Thr Leu Ser Leu Thr Cys Thr Val Tyr Gly Gly Ser Phe
15 20 25

Ser Gly Tyr Tyr Trp Ser Trp Ile Arg Gln Pro Pro Gly Lys Gly Leu
30 35 40 45

Glu Trp Ile Gly Glu Ile Asn His Ser Gly Ser Thr Asn Tyr Asn Pro
50 55 60

Ser Leu Lys Ser Arg Val Thr Ile Ser Val Asp Thr Ser Lys Asn Gln
65 70 75

Phe Ser Leu Lys Leu Asn Ser Val Thr Ala Ala Asp Thr Ala Val Tyr
 80 85 90
 Tyr Cys Ala Arg Ala Pro Glu Tyr Lys Trp Lys Tyr His Gly Asp Trp
 95 100 105
 Phe Asp Pro Trp Gly Gln Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ser
 110 115 120 125
 Thr Lys Gly Pro Ser Val Phe Pro Leu Ala Pro Ser Ser Lys Ser Thr
 130 135 140
 Ser Gly Gly Thr Ala Ala Leu Gly Cys Leu Val Lys Asp Tyr Phe Pro
 145 150 155
 Glu Pro Val Thr Val Ser Trp Asn Ser Gly Ala Leu Thr Ser Gly Val
 160 165 170
 His Thr Phe Pro Ala Val Leu Gln Ser Ser Gly Leu Tyr Ser Leu Ser
 175 180 185
 Ser Val Val Thr Val Pro Ser Ser Ser Leu Gly Thr Gln Thr Tyr Ile
 190 195 200 205
 Cys Asn Val Asn His Lys Pro Ser Asn Thr Lys Val Asp Lys Lys Ala
 210 215 220
 Glu Pro Lys Ser Cys Asp Lys Thr His Thr Cys Pro Pro Cys Pro Ala
 225 230 235
 Pro Glu Leu Leu Gly Gly Pro Ser Val Phe Leu Phe Pro Pro Lys Pro
 240 245 250
 Lys Asp Thr Leu Met Ile Ser Arg Thr Pro Glu Val Thr Cys Val Val
 255 260 265
 Val Asp Val Ser His Glu Asp Pro Glu Val Lys Phe Asn Trp Tyr Val
 270 275 280 285
 Asp Gly Val Glu Val His Asn Ala Lys Thr Lys Pro Arg Glu Glu Gln
 290 295 300
 Tyr Asn Ser Thr Tyr Arg Val Val Ser Val Leu Lys Val Leu His Gln
 305 310 315
 Asp Trp Leu Asn Gly Lys Glu Tyr Lys Cys Lys Val Ser Asn Lys Ala
 320 325 330
 Leu Pro Ala Pro Ile Glu Lys Thr Ile Ser Lys Ala Lys Gly Gln Pro
 335 340 345
 Arg Glu Pro Gln Val Tyr Thr Leu Pro Pro Ser Arg Asp Glu Leu Thr
 350 355 360 365
 Lys Asn Gln Val Ser Leu Thr Cys Leu Val Lys Gly Phe Tyr Pro Ser
 370 375 380
 Asp Ile Ala Val Glu Trp Glu Ser Asn Gly Gln Pro Glu Asn Asn Tyr
 385 390 395
 Lys Thr Thr Pro Pro Val Leu Asp Ser Asp Gly Ser Phe Phe Leu Tyr
 400 405 410
 Ser Lys Leu Thr Val Asp Lys Ser Arg Trp Gln Gln Gly Asn Val Phe
 415 420 425

41

Ser Cys Ser Val Met His Glu Ala Leu His Asn His Tyr Thr Gln Lys
 430 435 440 445

Ser Leu Ser Leu Ser Pro Gly Lys
 450

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 9:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR: 24 paires de bases
 (B) TYPE: nucléotide
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 9:

CCTCAGTGAA GGTCTCCTGC AAGG

24

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 10:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR: 24 paires de bases
 (B) TYPE: nucléotide
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 10:

TCCTGCGCTG GTGAAAGCCA CACA

24

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 11:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR: 23 paires de bases
 (B) TYPE: nucléotide
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 11:

GGTCCCTGAG ACTCTCCTGT GCA

23

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 12:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR: 25 paires de bases
 (B) TYPE: nucléotide
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 12:

TCGGAGACCC TGTCCCTCAC CTGCA

25

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 13:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
 (A) LONGUEUR: 24 paires de bases
 (B) TYPE: nucléotide
 (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 (D) CONFIGURATION: linéaire

- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 13:
CGCTGTCTCT GGTACTCCA TCAG 24
- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 14:
- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
(A) LONGUEUR: 24 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire
- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 14:
GAAAAGCCC GGGGAGTCTC TGAA 24
- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 15:
- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
(A) LONGUEUR: 24 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire
- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 15:
CCTGTGCCAT CTCCGGGGAC AGTG 24
- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 16:
- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
(A) LONGUEUR: 18 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire
- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 16:
CAGTCTGTGC TGACTCAG 18
- (2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 17:
- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
(A) LONGUEUR: 20 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire
- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 17:
CACACYAGTG TRGCCTGGTT 20

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 18:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 30 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 18:

CCTGTCAGAT CTATGAACAT TCTGTAGGGG

30

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 19:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 21 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 19:

CCGCCCTCCC TCGAGCTTCA A

21

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 20:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 18 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 20:

CASTCTGAGC TCACKCAG

18

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 21:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 24 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 21:

TTGAAGCTCG AGGAGGGCG GGAA

24

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 22:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 24 paires de bases
 - (B) TYPE: nucléotide
 - (C) NOMBRE DE BRINS: simple
 - (D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 22:

CAAGGTACCA CGGTCACCGT CTCC

24

44

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 23:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
(A) LONGUEUR: 29 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 23:

GAAGATCTCA TTTACCCGGA GACAGGGAG

29

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 24:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
(A) LONGUEUR: 57 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 24:

GTCCAACTGC AGCAGTGGGG CGCAGGACTG TTGAAGCCTT CGGAGACCCT GTCCCTC

57

(2) INFORMATIONS POUR LA SEQ ID NO: 25:

- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
(A) LONGUEUR: 29 paires de bases
(B) TYPE: nucléotide
(C) NOMBRE DE BRINS: simple
(D) CONFIGURATION: linéaire

(xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 25:

TGAGGAGACG GTGACCGTGG TACCTTGGC

29

REVENDEICATIONS

- 1) Fragment d'ADN, caractérisé en ce qu'il est choisi dans le groupe constitué par :
- un fragment d'ADN qui code pour le domaine variable de la chaîne légère de l'anticorps monoclonal D7C2 ;
 - un fragment d'ADN qui code pour le domaine variable de la chaîne lourde de l'anticorps monoclonal D7C2.
- 2) Cassette d'expression caractérisée en ce qu'elle comprend au moins un fragment d'ADN selon la revendication 1, placé sous contrôle transcriptionnel d'un promoteur de baculovirus.
- 3) Cassette d'expression selon la revendication 2, caractérisée en ce qu'elle comprend les éléments permettant l'expression de la chaîne lourde ou de la chaîne légère d'un anticorps monoclonal recombinant dénommé r-D7C2, lesdits éléments étant constitués par :
- un promoteur de baculovirus, sous contrôle transcriptionnel duquel sont placés :
 - une séquence codant pour un peptide signal de sécrétion ; et
 - une séquence codant pour le domaine variable de la chaîne légère de l'anticorps monoclonal D7C2 et une séquence codant pour le domaine constant de la chaîne légère d'une immunoglobuline ; ou bien
 - une séquence codant pour le domaine variable de la chaîne lourde de l'anticorps monoclonal D7C2 et une séquence codant pour le domaine constant de la chaîne lourde d'une immunoglobuline.
- 4) Cassette d'expression selon la revendication 2, caractérisée en ce que la séquence codant pour le domaine constant de la chaîne légère ou de la chaîne lourde d'immunoglobuline est une séquence d'origine humaine.

5) Cassette d'expression selon une quelconque des revendications 2 à 4, caractérisée en ce que le promoteur de baculovirus est le promoteur de la polyédrine ou l'un de ses dérivés, ou bien le promoteur 5 de la p10 ou l'un de ses dérivés.

6) Vecteur recombinant, caractérisé en ce qu'il comprend au moins un fragment d'ADN selon la revendication 1.

7) Vecteur recombinant selon la revendication 10 6, caractérisé en ce qu'il comprend au moins une cassette d'expression selon une quelconque des revendications 2 à 5.

8) Vecteur recombinant selon la revendication 7, caractérisé en ce qu'il constitue un vecteur de 15 transfert, portant un insert comprenant : une cassette d'expression selon une quelconque des revendications 2 à 4, et de part et d'autre de cette cassette, des séquences de baculovirus homologues de celles des régions flanquant la portion du génome de baculovirus en remplacement de 20 laquelle on souhaite insérer ladite cassette.

9) Vecteur de transfert selon la revendication 8, caractérisé en ce que lesdites séquences de baculovirus sont homologues de celles des régions 25 flanquant le gène de la p10, ou homologues de celles des régions flanquant le gène de la polyédrine.

10) Vecteur de transfert selon la revendication 9, caractérisé en ce que la cassette d'expression contenant le gène codant pour la chaîne légère de l'anticorps r-D7C2 est flanquée des régions 30 entourant le gène de la polyédrine dans le baculovirus sauvage, et la cassette d'expression portant le gène codant pour la chaîne lourde de l'anticorps r-D7C2 est flanquée des régions entourant le gène P10 dans le baculovirus sauvage.

11) Baculovirus recombinant caractérisé en ce qu'il comprend au moins une cassette d'expression selon une quelconque des revendications 2 à 5.

12) Baculovirus recombinant selon la revendication 11, caractérisé en ce qu'il comprend une cassette d'expression comprenant la séquence codant pour la chaîne H de l'anticorps r-D7C2, et une cassette d'expression comprenant la séquence codant pour la chaîne L de l'anticorps r-D7C2.

13) Baculovirus recombinant selon la revendication 12, caractérisé en ce que le promoteur contrôlant la transcription de la séquence codant pour la chaîne L de l'anticorps monoclonal r-D7C2, et le promoteur contrôlant la transcription de la séquence codant pour la chaîne H de l'anticorps monoclonal r-D7C2, sont deux promoteurs différents.

14) Baculovirus recombinant selon la revendication 13, caractérisé en ce que l'un desdits promoteurs est situé à l'emplacement occupé chez le baculovirus sauvage, par le promoteur de la polyédrine et l'autre est situé à l'emplacement occupé chez le baculovirus sauvage, par le promoteur de la P10.

15) Baculovirus recombinant selon une quelconque des revendications 11 à 14, caractérisé en ce que la transcription de la séquence codant pour la chaîne légère de l'anticorps r-D7C2 est sous contrôle du promoteur de la polyédrine ou de l'un de ses dérivés, et la transcription de la séquence codant pour la chaîne lourde de l'anticorps r-D7C2 est sous contrôle du promoteur de la P10 ou de l'un de ses dérivés.

16) Baculovirus recombinant selon une quelconque des revendications 12 à 14, caractérisé en ce que la séquence codant pour le peptide signal associé à la chaîne L de l'anticorps monoclonal r-D7C2, et la séquence codant pour le peptide signal associé à la

chaîne H de l'anticorps monoclonal r-D7C2, sont deux séquences différentes.

17) Baculovirus recombinant selon la revendication 16, déposé le 19 août 1994, auprès de la C.N.C.M., sous le numéro I-1468.

18) Cellules d'insecte infectées avec un baculovirus recombinant selon une quelconque des revendications 11 à 17.

19) Procédé de préparation d'un anticorps monoclonal recombinant, caractérisé en ce qu'il comprend une étape au cours de laquelle l'on cultive des cellules d'insecte selon la revendication 18, et une étape au cours de laquelle l'on obtient ledit anticorps à partir du milieu de culture.

20) Anticorps monoclonal recombinant, caractérisé en ce que ses domaines variables ont la séquence des domaines variables de l'anticorps monoclonal D7C2.

21) Anticorps monoclonal recombinant selon la revendication 20, caractérisé en ce qu'il est susceptible d'être obtenu par un procédé selon la revendication 19.

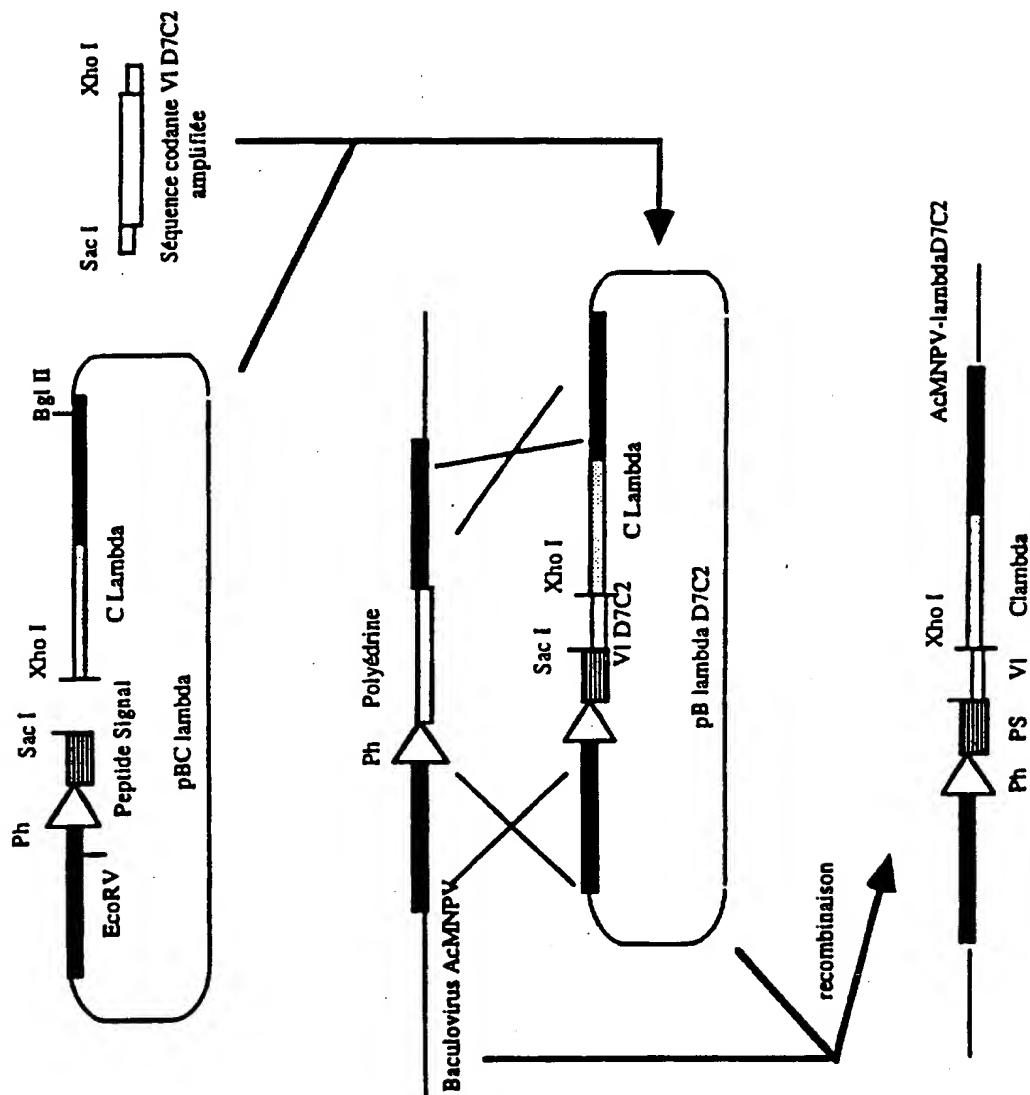
22) Anticorps monoclonal recombinant selon une quelconque des revendications 20 ou 21 caractérisé en ce que la séquence polypeptidique de sa chaîne légère et la séquence polypeptidique de sa chaîne lourde sont des séquences humaines.

23) Anticorps monoclonal recombinant selon une quelconque des revendications 20 à 22 caractérisé en ce qu'il appartient à la classe des IgG.

24) Utilisation d'un anticorps monoclonal recombinant selon une quelconque des revendications 20 à 23 pour l'obtention de médicaments.

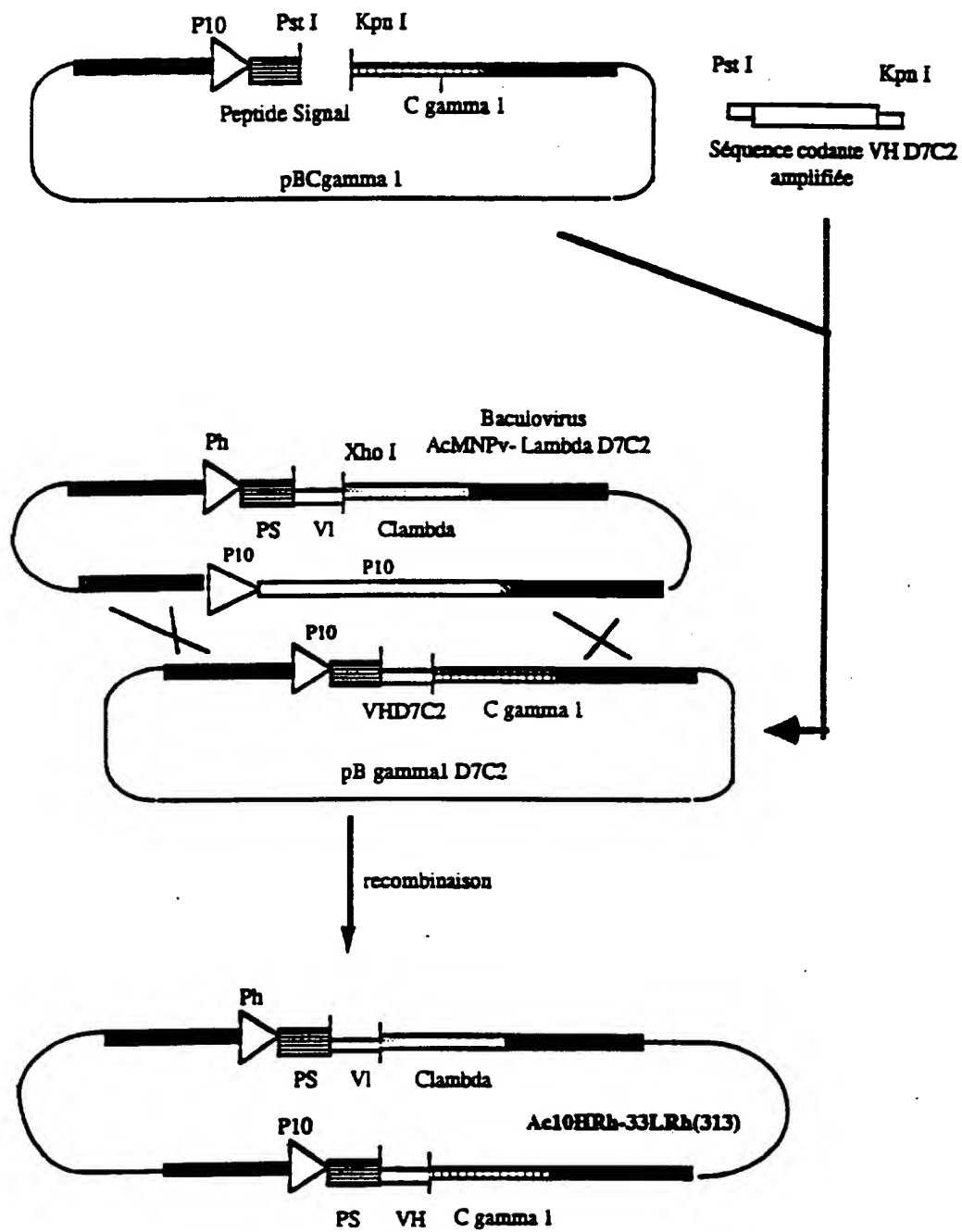
1/2

FIGURE 1



2/2

FIGURE 2



INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No

PCT/FR 95/01143

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 6 C12N15/13 C07K16/34 A61K39/395 C12N15/86

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 6 C12N C07K

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	WO,A,91 07492 (CENTRAL BLOOD LAB AUTHORITY) 30 May 1991 see the whole document ---	1-24
A	EP,A,0 345 152 (AGRONOMIQUE INST NAT RECH ;CENTRE NAT RECH SCIENT (FR)) 6 December 1989 see the whole document ---	5-18
A	AUSTRALIAN JOURNAL OF MEDICAL SCIENCE;; vol. 13, no. 2, May 1992 pages 43-47, STERN, D.A. ET AL.; 'Monoclonal anti-RHD from clone to consumer.' see the whole document ---	1-24
-/--		

☒ Further documents are listed in the continuation of box C.

☒ Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents :

- *A* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- *E* earlier document but published on or after the international filing date
- *L* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- *O* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- *P* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

- *T* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- *X* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- *Y* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.
- *&* document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

7 December 1995

Date of mailing of the international search report

28.12.95

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Nauche, S

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

In tional Application No
PCT/FR 95/01143

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	<p>THE JOURNAL OF CLINICAL INVESTIGATION;; vol. 90, no. 6, December 1992 pages 2481-2490, BYE, J.M. ET AL.; 'Germline variable region gene segment derivation of human monoclonal anti-Rh(D)' see the whole document ---</p>	1-24
A	<p>BIOFUTUR, 1993, 125, 3-15, MORELLE C 'Expression de proteines heterologues' see the whole document -----</p>	1-24

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/FR 95/01143

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO-A-9107492	30-05-91	AU-B- 647054	17-03-94
		AU-B- 6721490	13-06-91
		EP-A- 0500659	02-09-92

EP-A-0345152	06-12-89	FR-A- 2631974	01-12-89
		AU-B- 626867	13-08-92
		AU-B- 3529189	07-12-89
		JP-A- 2035092	05-02-90
		PT-B- 90687	31-10-94

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

D: le Internationale No
PCT/FR 95/01143

A. CLASSEMENT DE L'OBJET DE LA DEMANDE CIB 6 C12N15/13 C07K16/34 A61K39/395 C12N15/86		
Selon la classification internationale des brevets (CIB) ou à la fois selon la classification nationale et la CIB		
B. DOMAINES SUR LESQUELS LA RECHERCHE A PORTE Documentation minimale consultée (système de classification suivi des symboles de classement) CIB 6 C12N C07K		
Documentation consultée autre que la documentation minimale dans la mesure où ces documents relèvent des domaines sur lesquels a porté la recherche		
Base de données électronique consultée au cours de la recherche internationale (nom de la base de données, et si cela est réalisable, termes de recherche utilisés)		
C. DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		
Catégorie *	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
A	WO,A,91 07492 (CENTRAL BLOOD LAB AUTHORITY) 30 Mai 1991 voir le document en entier ---	1-24
A	EP,A,0 345 152 (AGRONOMIQUE INST NAT RECH ;CENTRE NAT RECH SCIENT (FR)) 6 Décembre 1989 voir le document en entier ---	5-18
A	AUSTRALIAN JOURNAL OF MEDICAL SCIENCE;; vol. 13, no. 2, Mai 1992 pages 43-47, STERN, D.A. ET AL.; 'Monolconal anti-RHD from clone to consumer.' voir le document en entier ---	1-24
-/--		
<div style="display: flex; justify-content: space-between;"> <input checked="" type="checkbox"/> Voir la suite du cadre C pour la fin de la liste des documents <input checked="" type="checkbox"/> Les documents de familles de brevets sont indiqués en annexe </div>		
<div style="display: flex;"> <div style="flex: 1;"> <p>* Catégories spéciales de documents cités:</p> <p>*A* document définissant l'état général de la technique, non considéré comme particulièrement pertinent</p> <p>*E* document antérieur, mais publié à la date de dépôt international ou après cette date</p> <p>*L* document pouvant jeter un doute sur une revendication de priorité ou cité pour déterminer la date de publication d'une autre citation ou pour une raison spéciale (telle qu'indiquée)</p> <p>*O* document se référant à une divulgation orale, à un usage, à une exposition ou tous autres moyens</p> <p>*P* document publié avant la date de dépôt international, mais postérieurement à la date de priorité revendiquée</p> </div> <div style="flex: 1;"> <p>*T* document ultérieur publié après la date de dépôt international ou la date de priorité et n'appartenant pas à l'état de la technique pertinent, mais cité pour comprendre le principe ou la théorie constituant la base de l'invention</p> <p>*X* document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme nouvelle ou comme impliquant une activité inventive par rapport au document considéré isolément</p> <p>*Y* document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme impliquant une activité inventive lorsque le document est associé à un ou plusieurs autres documents de même nature, cette combinaison étant évidente pour une personne du métier</p> <p>*A* document qui fait partie de la même famille de brevets</p> </div> </div>		
Date à laquelle la recherche internationale a été effectivement achevée <div style="text-align: center; font-weight: bold;">7 Décembre 1995</div>		Date d'expédition du présent rapport de recherche internationale <div style="text-align: center; font-weight: bold;">28.12.95</div>
Nom et adresse postale de l'administration chargée de la recherche internationale Office Européen des Brevets, P.B. 5818 Patentdaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tél. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl, Fax (+31-70) 340-3016		Fonctionnaire autorisé <div style="text-align: center; font-weight: bold;">Nauche, S</div>

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

De le Internationale No

PCT/FR 95/01143

C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS

Catégorie *	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
A	<p>THE JOURNAL OF CLINICAL INVESTIGATION;, v 1. 90, no. 6, Décembre 1992 pages 2481-2490, BYE, J.M. ET AL.; 'Germline variable region gene segment derivation of human monoclonal anti-Rh(D)' voir le document en entier ---</p>	1-24
A	<p>BIOFUTUR, 1993, 125, 3-15, MORELLE C 'Expression de protéines heterologues' voir le document en entier -----</p>	1-24

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Renseignements relatifs aux membres de familles de brevets

D. de Internationale No

PCT/FR 95/01143

Document brevet cité au rapport de recherche	Date de publication	Membre(s) de la famille de brevet(s)	Date de publication
WO-A-9107492	30-05-91	AU-B- 647054	17-03-94
		AU-B- 6721490	13-06-91
		EP-A- 0500659	02-09-92

EP-A-0345152	06-12-89	FR-A- 2631974	01-12-89
		AU-B- 626867	13-08-92
		AU-B- 3529189	07-12-89
		JP-A- 2035092	05-02-90
		PT-B- 90687	31-10-94
